

Universidad
Continental



FILOGENIA MOLECULAR DEL GENE SUC-1 PERTENECIENTE A UNA INVERTASA PRESENTE EN MICROORGANISMOS

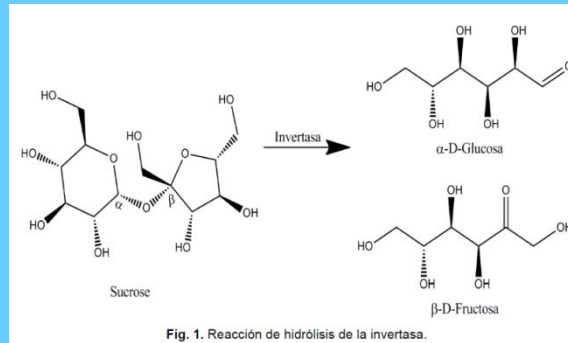
Boris Gutarra, Universidad Continental

Boris.gutarra@gmail.com

INVERTASAS

- Sacarasas, beta-Fructofuranosidasa (FFase, EC 3.2.1.26), Fructosiltransferasa (FTase, EC 2.4.1.9).

1) Son enzimas que convierte la sacarosa en glucosa y fructosa

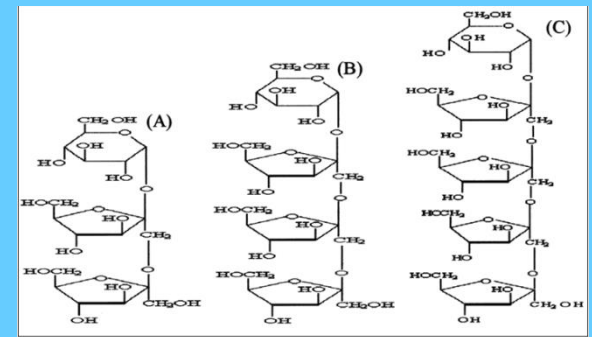


2) Tienen una actividad fructosiltransferasa



Donde:

$n = 1-3$



EFECTOS BENEFICIOSOS

Prebiótico:

1. No degradado en estómago ni intestino delgado.
2. Transferido al colon intacto.
3. Estimular **selectivamente** el crecimiento y actividad de *Bifidobacterias* y *Lactobacillus*.

Mercado:

Demanda mundial para alimentos prebióticos:

Año 2008 : 167,000 Tn -> 390 millones de Euros

Para el 2020: USD 5.75 billones

- 1) Japón
- 2) USA
- 3) Europa

FUENTES



Objetivos

Realizar un estudio bioinformático acerca de la filogenia del gene suc-1 y reconstruir la una proteína ancestral en base a esta información.

- 1. Caracterización del gene suc -1 y de la proteína que transcribe.**
- 2. Construcción del filograma del gene suc-1 en base a secuencias proteicas**
- 3. Reconstrucción de la secuencias nucleotídicas y proteicas ancestrales del gene suc-1**
- 4. Predicción tridimensional de la estructura de la proteína ancestral del gene suc-1**

PROYECTO EN EJECUCION

1ra Convocatoria Concurso de Investigación Básica y Aplicada



CÓDIGO DEL PROYECTO: PIAP-1-P-361-13



FORMATO DE PROYECTO DE INV. APLICADA

SECCION A: IDENTIFICACIÓN DE ENTIDADES PARTICIPANTES

A.1. Datos generales del Proyecto

1. Título del proyecto

PRODUCCION DE FRUCTOOLIGOSACÁRIDOS (FOS) Y SELECCIÓN DE LINAJES DE *Aspergillus* sp. DE ALTO RENDIMIENTO

2. Palabras Claves

FOS. fructooligosacáridos. *Aspergillus* sp.

3. Áreas prioritarias

BIOTECNOLOGIA

4. Área de Investigación

Área de investigación	SubÁrea de Investigación	Área Temática
INGENIERIA Y TECNOLOGIA	Biotecnología Industrial	Biotecnología Industrial

8. Datos del Coordinador General del proyecto

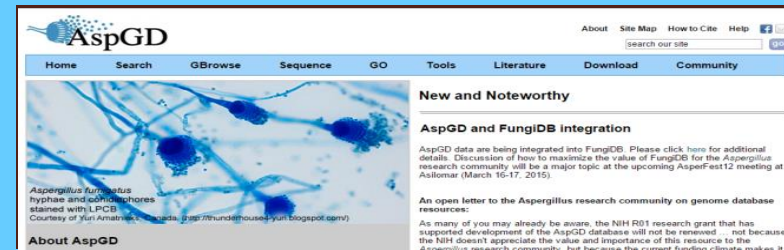
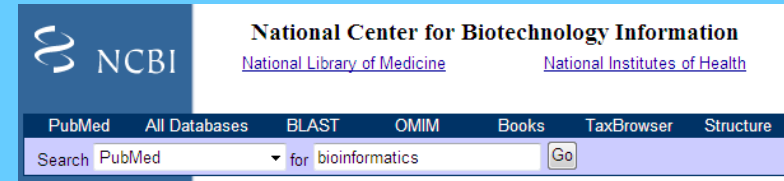
Es Investigador:	Si		
Apellidos y Nombres	Gutarra Castillo, Boris Augusto		
Entidad a la que pertenece	Entidad Solicitante		
Fecha de nacimiento	1970-06-14	Sexo	M
DNI	07511052	RUC	10075110524
Telefono Oficina	064481430		
Telefono personal	064502806		
Celular	949478784		
Correo Electronico	boris.gutarra@gmail.com		



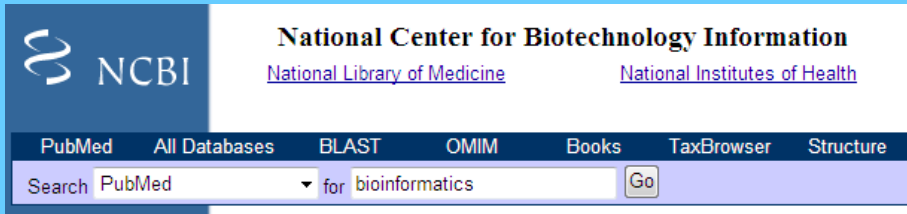
Aspectos metodológicos: población y muestra

MATERIAL BIOINFORMATICO

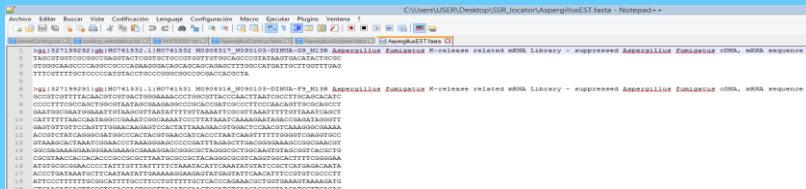
- NCBI
- BLAST: BLASTP,TBLASTN
- MEGA 6
- Mr.BAYES
- GUINDANCE
- DARWIN
- PROSITE
- SWISS - MODEL
- Cap3
- Perl-Bioperl
- Python-Biophyton
- LINUX-UBUNTU 12.04



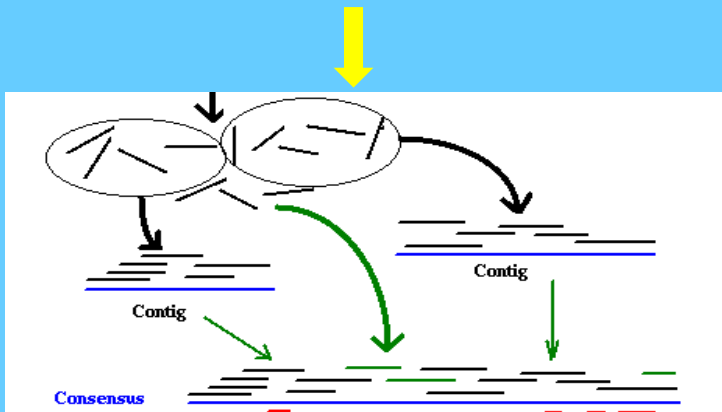
ANÁLISIS BIOINFORMÁTICO



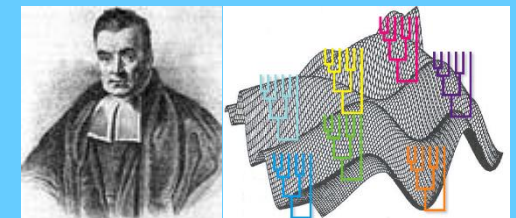
ESTs para Genero Aspergillus
421 secuencias



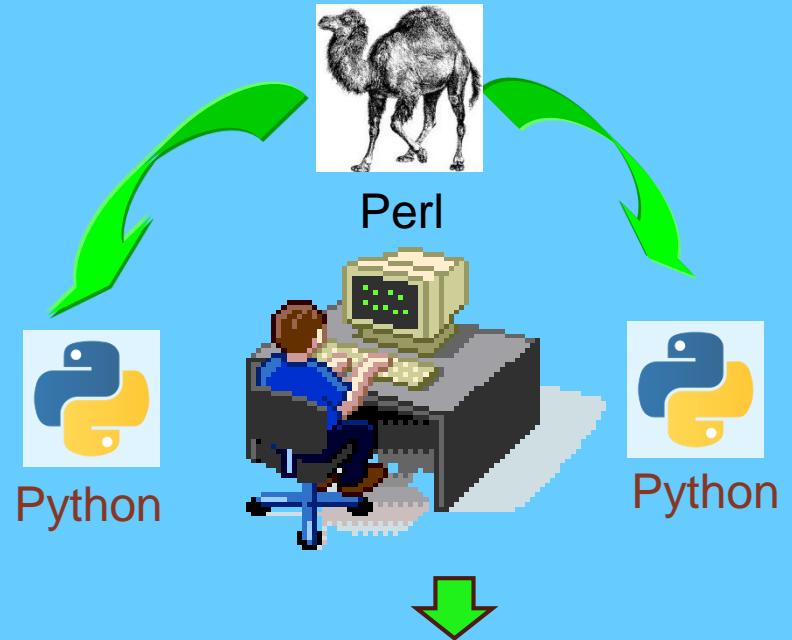
Edición de secuencias y creación de MultiFASTA



Ensamblaje
y
Busqueda



ANÁLISIS
FIOLOGENETICO



RECONSTRUCCION DE LA SECUENCIA ANCESTRAL

BBC Ingresar Menú

MUNDO

Noticias América Latina Internacional Economía Tecnología Ciencia Salud

Un software capaz de volver a la vida lenguas muertas

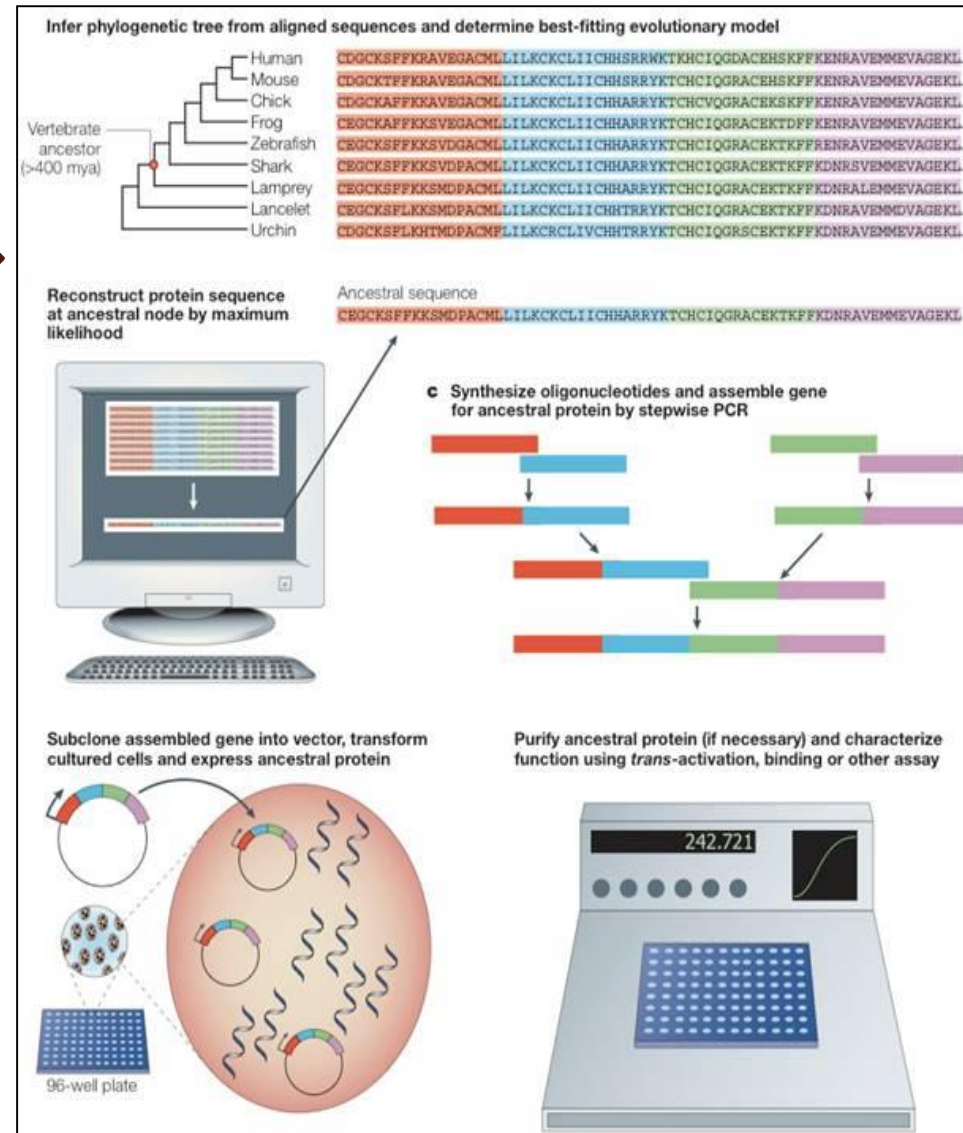
© 14 febrero 2013

Ya ni las lenguas muertas se escapan de las nuevas tecnologías. Gracias a una novedosa herramienta, ahora es posible reconstruir aquellos idiomas que se extinguieron.

Se trata de un nuevo software creado por un equipo de investigadores con el fin de recuperar protolenguas, como se llama a las lenguas a partir de las cuales evolucionaron los idiomas modernos.

La mayoría de lenguas muertas no cuentan con registros escritos, lo que dificulta el proceso de reconstrucción.

Para probar el sistema, los científicos tomaron 637 idiomas hablados en Asia y en el Pacífico en la actualidad, y recrearon el lenguaje originario del que descendieron.

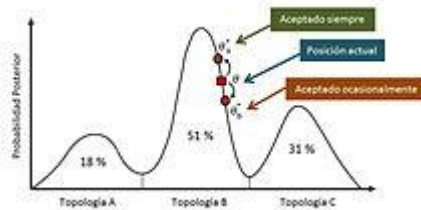


Máxima verosimilitud

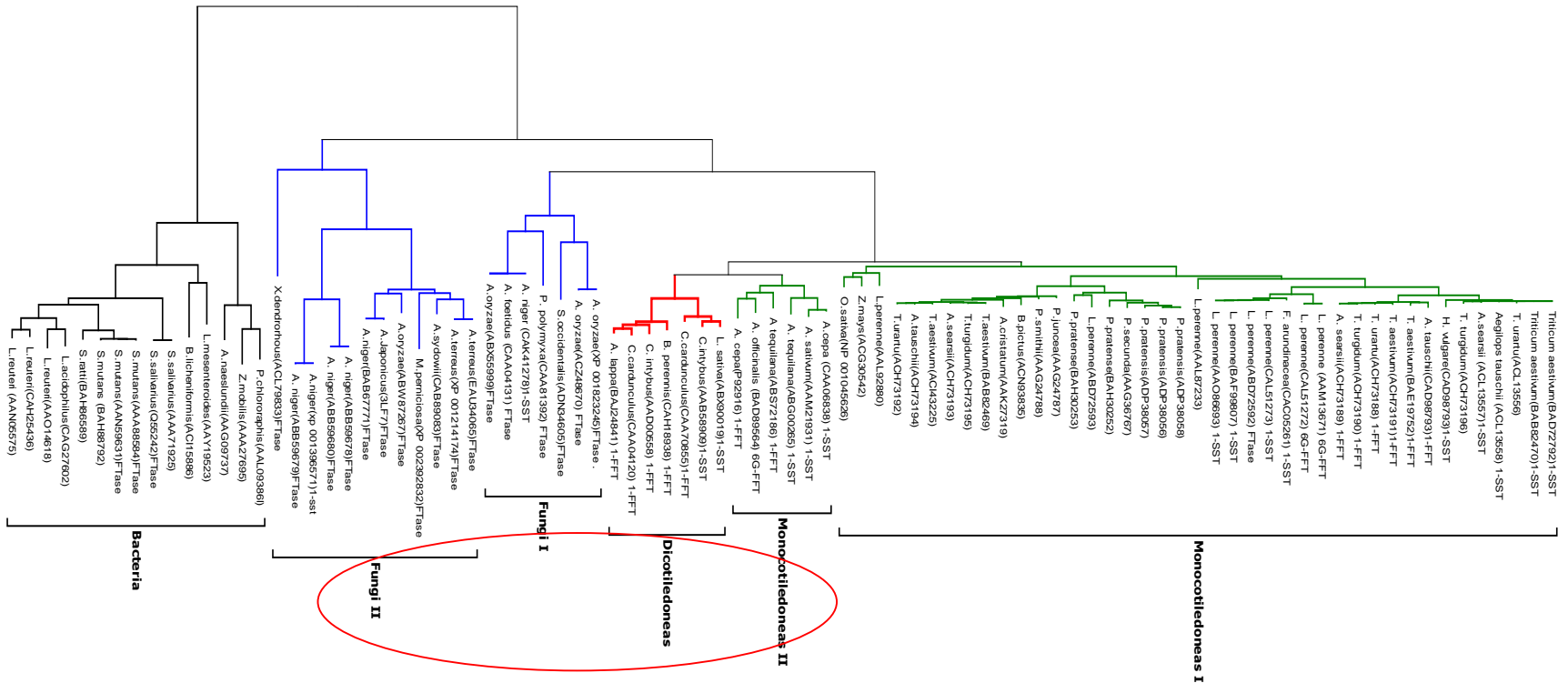
$$\hat{\theta}_{\text{mle}} = \arg \max_{\theta \in \Theta} \hat{\ell}(\theta | x_1, \dots, x_n).$$

Inferencia bayesiana

$$P(H|D) = \frac{P(H)P(D|H)}{P(D)}$$



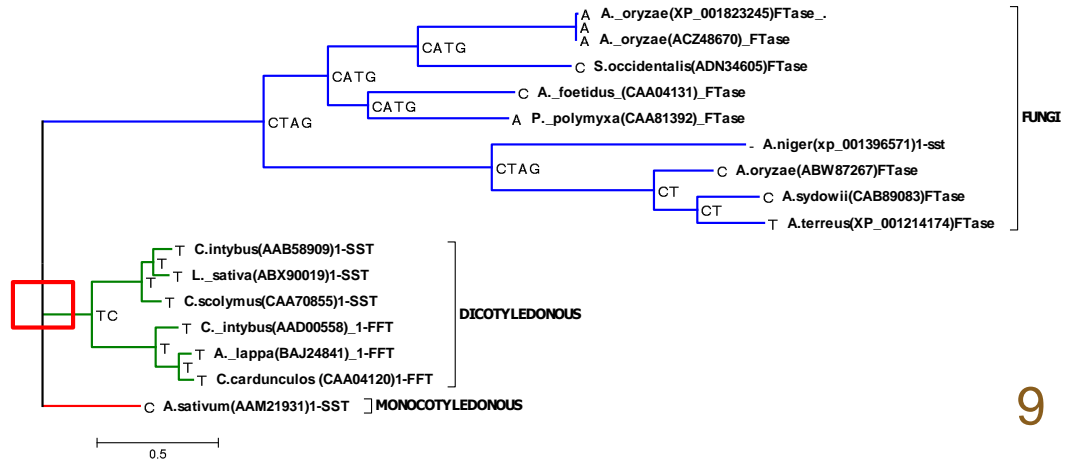
Resultados: Filogenia



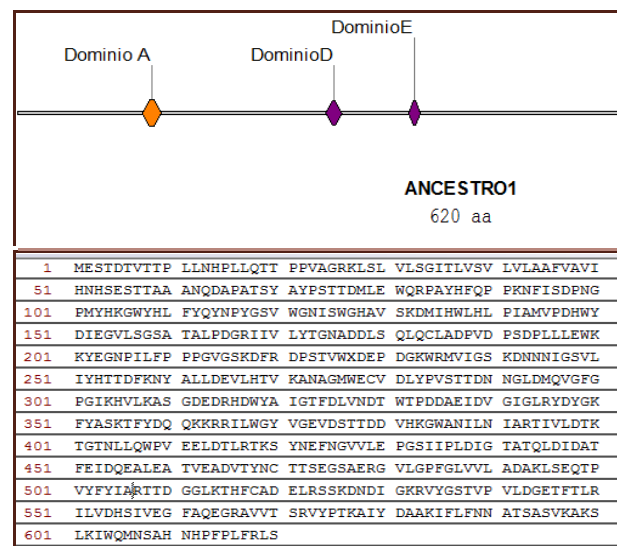
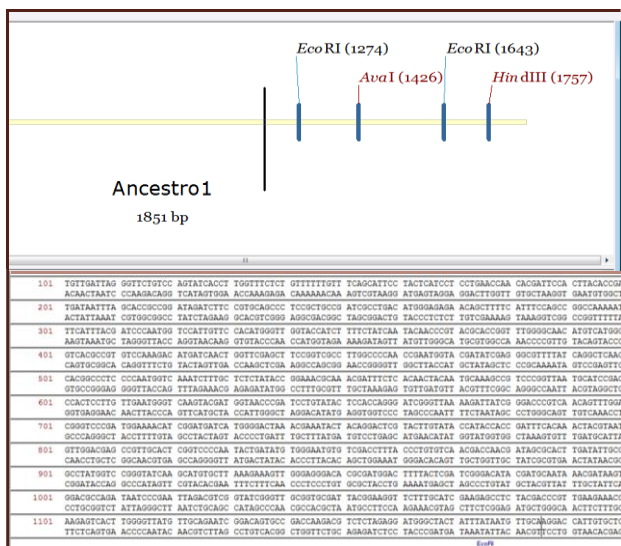
Distancia genética
MONO- FUNGI = 0.023
DICO – FUNGI = 0.012



ANCESTRO



Resultados: DNA Y PROTEINA Ancestral



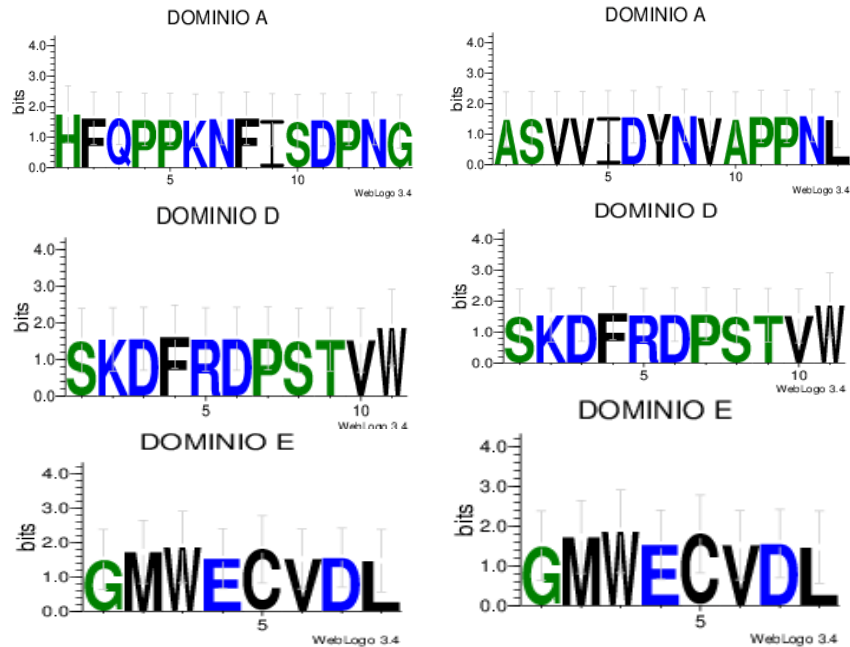
Secuencia de ADN

Traducción del ADN

Select: All None Selected:0		Alignments Download GenPept Graphics Distance tree of results Multiple alignment							
	Description	Max score	Total score	Query cover	E value	Ident	Accession		
<input type="checkbox"/> fructan:fructan 1-fructosyltransferase [Arctium lappa]		1231	1231	100%	0.0	95%	BAJ24841.1		
<input type="checkbox"/> fructan:fructan 1-fructosyltransferase [Cynara cardunculus var. scolymus]		1183	1183	100%	0.0	93%	CAA04120.2		
<input type="checkbox"/> fructan:fructan 1-fructosyltransferase [Cichorium intybus]		1113	1113	100%	0.0	86%	AAD00558.1		
<input type="checkbox"/> fructan:fructan 1-fructosyltransferase [Cichorium intybus]		1095	1095	100%	0.0	84%	AFB83199.1		
<input type="checkbox"/> fructan:fructan 1-fructosyltransferase [Lactuca sativa]		1079	1079	100%	0.0	84%	ABX90020.1		
<input type="checkbox"/> 2.1-fructan 2.1-fructan 1-fructosyltransferase precursor [Doronicum pardaliches]		1077	1077	100%	0.0	82%	CAH18937.1		
<input type="checkbox"/> 1.2-beta-fructan 1F-fructosyltransferase [Taraxacum officinale]		1076	1076	99%	0.0	83%	CAH25486.1		
<input type="checkbox"/> 1.2-beta-fructan 1F-fructosyltransferase [Helianthus tuberosus]		1051	1051	100%	0.0	81%	CAA08811.1		
<input type="checkbox"/> 1.2-beta-fructan 1F-fructosyltransferase [Taraxacum officinale]		1051	1051	99%	0.0	82%	CAH25487.1		
<input type="checkbox"/> 2.1-fructan 2.1-fructan 1-fructosyltransferase precursor [Viguiera discolor]		1013	1013	99%	0.0	79%	CAH18892.1		
<input type="checkbox"/> 2.1-fructan 2.1-fructan 1-fructosyltransferase precursor [Echinops ritro]		1012	1012	99%	0.0	78%	CAH18891.1		
<input type="checkbox"/> 2.1-fructan 2.1-fructan 1-fructosyltransferase precursor [Bellis perennis]		931	931	84%	0.0	84%	CAH18938.1		
<input type="checkbox"/> sucrose:sucrose 1-fructosyltransferase [Cynara cardunculus var. scolymus]		749	749	99%	0.0	57%	CAA70855.1		
<input type="checkbox"/> beta-fructofuranosidase [Daucus carota]		739	739	99%	0.0	54%	CAA53099.1		
<input type="checkbox"/> beta-fructofuranosidase [Daucus carota]		734	734	99%	0.0	54%	CAA53098.1		
<input type="checkbox"/> sucrose:sucrose 1-fructosyl transferase [Taraxacum officinale]		734	734	97%	0.0	57%	CAB60153.1		

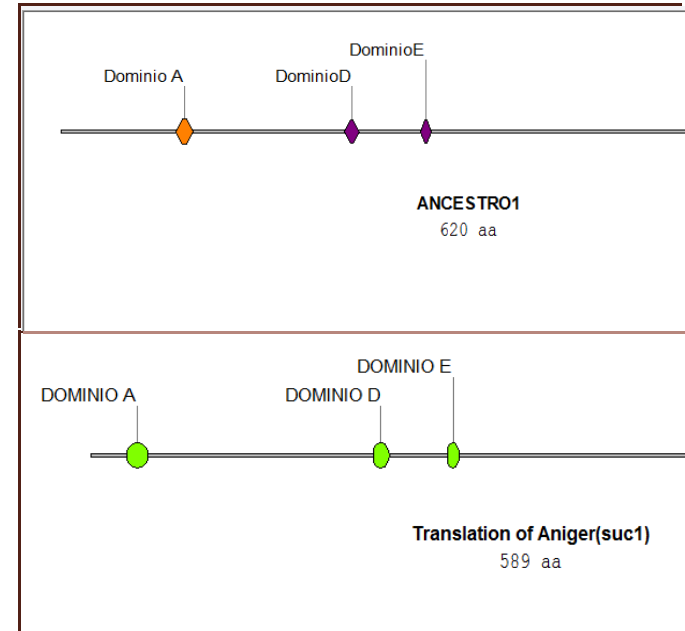
Comparación y determinación de identidad

DOMINIOS A D Y E DE LA PROTEINA ANCESTRAL




Ancestro

SUC-1



PREDICCION : ESTRUCTURA DE LA PROTEINA ANCESTRAL

**BIOZENTRUM**
Universität Basel
The Center for Molecular Life Sciences

SWISS-MODEL

Modelling Tools Repository Documentation Login Create Account

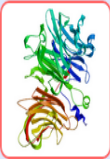
All Projects

Untitled Project Created: today at 05:59

Summary Templates 39 Models 3

Model Results

Order by: GMQE



Model 01

Oligo-State

MONOMER

QMEAN4

C β

All Atom

Solvation

Torsion

-3.58

-3.73

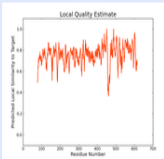
-3.00

-3.47

-1.22

Ligands

None



GMQE

QMEAN4

0.74

-3.58



Template	Seq Identity	Coverage	Description
3ugg.1.A	56.91%	<div></div>	Sucrose:(Sucrose/fructan) 6-fructosyltransferase

Model-Template Alignment

Model_01

3ugg.1.A

MKTTEPLTDLEHAPNHTPLLDHPPEPPAAVRKRLIRLVSSITLVSLFFVSAPLLILLNQHDSTYTDNLAPPDRSSVQPSAADRLTWERTAFHFQPAKNFIYDPNGPLE110

PDNAVPTPMSQAQLSWRTAFHFQPERSNWSDPDGPTE39

Model_01

3ugg.1.A

HMGWYHLFYQYNPYAPVGNMWSGHAVSKDMINWFELPVALAPTEWYDIEGLVSGSTTALPNQIFALYTGNADEFSQLCKAVPVNASDPLLVEWVKYDGNPILYTPPG220

MGWYHFFYQYNPDNFWGNMFWGHVSDLIHWLPLPLAADAQWYDMGVSGSSTLPDGFINMLYTGKEMVEMLSLAPADLSDPLLVEWVKYDGNPILYTPPG149

Model_01

3ugg.1.A

IGLKDYRDPSTVWTGPDGKHRMIMGTKRNTTGLVLVYHTTDFNTNYVMDLEPLHSPVNTDMWECVDLYPVSTTNSALDIAAYGPGIKHVLKESWEGHAMDFFYSIGTYDAI330

VSPTEFRDSTWVVGWNRIRIAIGAKNTIGIAMYYEIDFKSFDELEELHAFPTGMECVLDLYPSTTGEKGLETSWNGPKKHVLKASDEQQRDIYAGTYDLG269

Model_01

3ugg.1.A

NDKWTDPNPELDVGIGLRCDYGRFFASKSLYDPLKRRVTWGYVAESDSADQDVRSGWATIIYNVARTIVLDRKTGTHLLQWPVEEIESLRNNGREFKEMTLEPGSIIPLD440

ENKWTDPNPELDVGIGLRCDYGRFFASKSLYDPLKRRVTWGYVAESDSADQDVRSGWATIIYNVARTIVLDRKTGTHLLQWPVEEIESLRNNGREFKEMTLEPGSIIPLD369

Model_01

3ugg.1.A

IGSATQLDIVATFEVDQALKATSDTNDYEGCTTSSGAAERGSFGFPGIADLTGLSELTPVYFYIAKNTKGGVDTHFCTDKLRSSLDYDGEKVYVGSTVPVLDGEEFT550

VGTATQLDIIAEFDYEALEGTTEADMGYNTTSSGAAERGSFGFPGIADLTGLSELTPVYFYIAKNTKGGVDTHFCTDKLRSSLDYDGEKVYVGSTVPVLDGEEFT479

Model_01

3ugg.1.A

MRLVVDHSVVEGFAQGGRTVITSRVYPTKAIYEGAKLFVFNNAITTSVKATLKVQMSHALIQPFPF617

AMRLVVDHSVVEGFAQGGRTVITSRVYPTKAIYEGAKLFVFNNAITTSVKATLKVQMSHALIQPFPF544

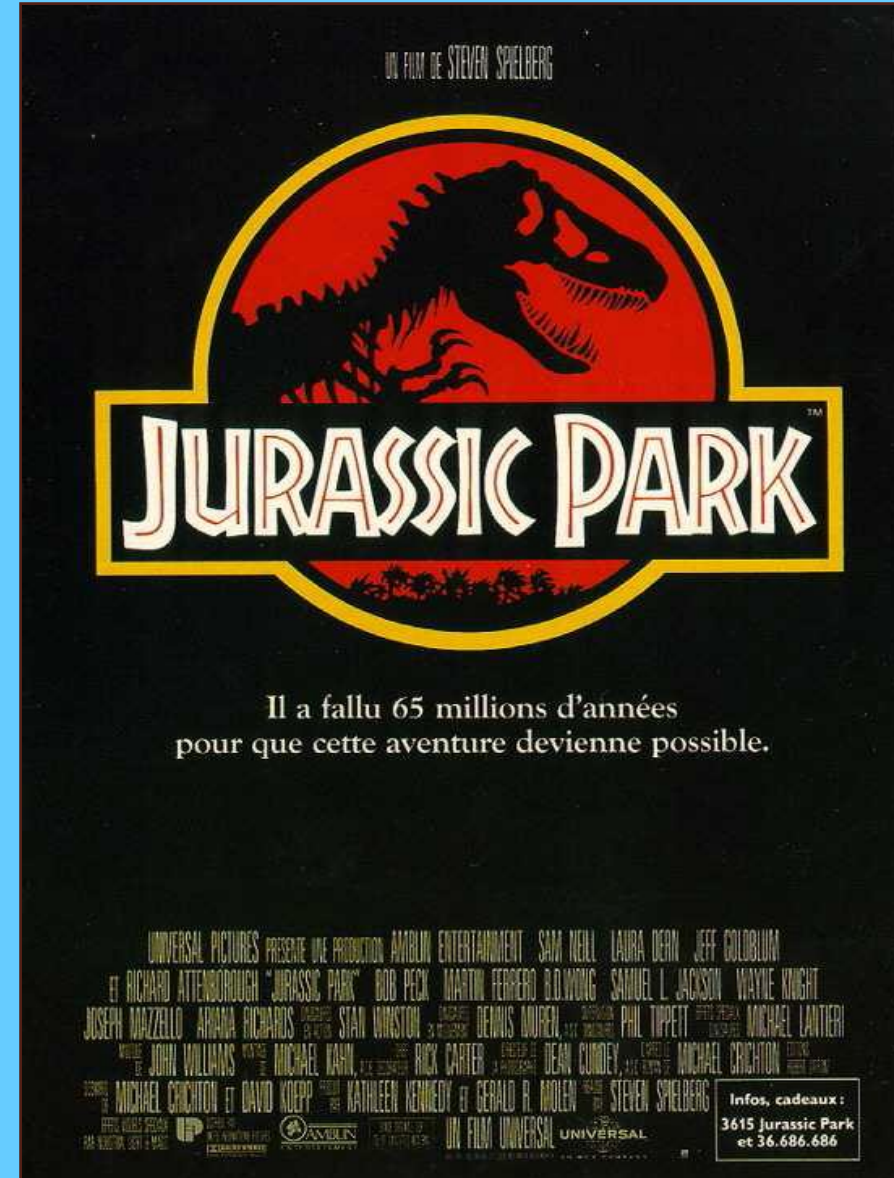
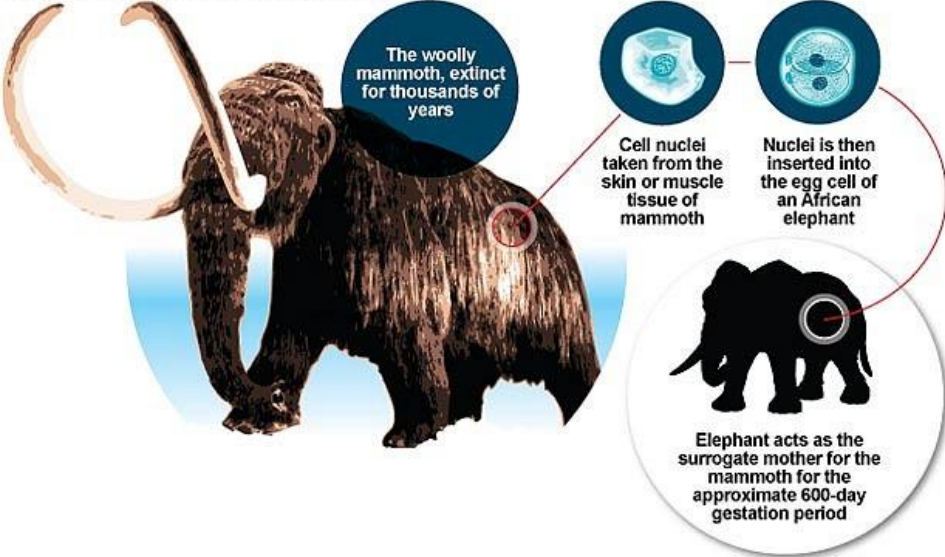


View

1 61

RECONSTRUCCION DE ORGANISMOS : CIENCIA FICCION O REALIDAD?

How to clone a mammoth



Conclusiones

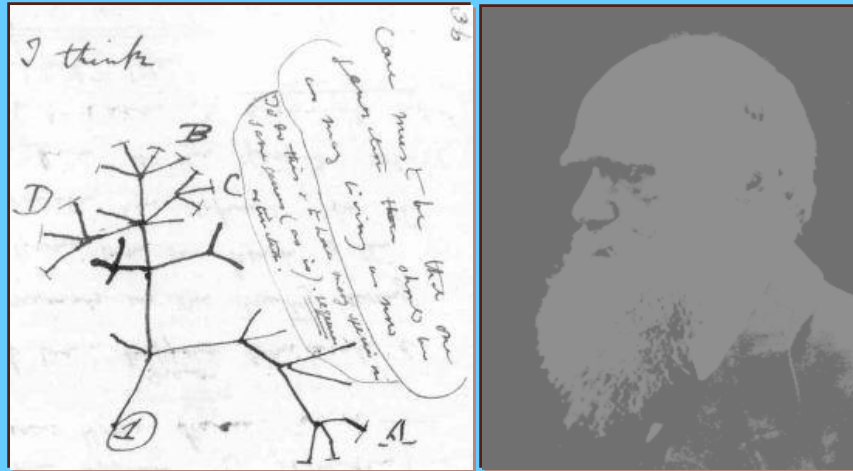
- 1) Se logro diseñar la secuencia ancestral del gene SUC-1 constituido por un Exón de 1851 pb.**
- 2) La proteína ancestral esta constituido por 620aa.**
- 3) Los dominios A, D y E de la proteína ancestral mostro diferente posicionamiento y composición a la proteína Suc1.**
- 4) Es posible el diseño y la reconstrucción de la proteína ancestral de una invertasa mediante métodos Bioinformáticas.**

Referencias bibliográficas

- B. S. W. Chang, K. Jönsson, M. A. Kazmi, M. J. Donoghue, and T. P. Sakmar. Recreating a functional ancestral archosaur visual pigment. *Molecular Biology and Evolution*, 19(9):1483–1489, 2002.
- W. M. Fitch. Toward Defining the Course of Evolution: Minimum Change for a Specific Tree Topology. *Systematic Zoology*, 20(4):406–416, 1971.
- B. A. Malcolm, K. P. Wilson, B. W. Matthews, J. F. Kirsch, and A. C. Wilson. Ancestrally synthesized, neutrality tested, and thermostability linked to hydrocarbon packing. *Nature*, 345(6270):86–89, 1990.
- T. Pupko, I. Pe’er, R. Shamir, and D. Graur. A fast algorithm for joint reconstruction of ancestral amino acid sequences. *Molecular Biology and Evolution*, 17(6):890–896, 2000.
- D. L. Swofford and W. P. Maddison. Reconstructing Ancestral Character States Under Wagner Parsimony. *Mathematical Biosciences*, 87:199–229, 1987.
- J. A. Ugalde, B. S. W. Chang, and M. V. Matz. Evolution of coral pigments recreated. *Science*, 305(5689):1433–1433, 2004.
- Z. Yang, S. Kumar, and M. Nei. A new method of inference of ancestral nucleotide and amino acid sequences. *Genetics*, 141(4):1641–1650, 1995.

"Nada en la *Biología* tiene sentido excepto a la luz de la *Evolución*"

Theodosius Dobzhansky



GRACIAS